

SUR LES POSSIBILITÉS DE TRANSFERT DE MATÉRIEL GÉNÉTIQUE DU COTONNIER SAUVAGE *G. ANOMALUM* (Waw. et Peyr.) A L'ESPÈCE CULTIVÉE *G. HIRSUTUM*

II. Création de lignées d'addition à 27 paires de chromosomes

par

C. POISSON

Chef de la Section de Cytogénétique
Station Centrale de BOUAKÉ
(Côte d'Ivoire)

INTRODUCTION

En Afrique de l'Ouest, la culture du cotonnier fait principalement appel à l'espèce amphidiploïde *G. hirsutum*, dont la garniture chromosomique est composée de deux sous-génomes de type A et D. *G. anomalum* est la seule espèce sauvage vivant à l'état spontané dans cette zone : elle est diploïde ($2n = 26$) et son génome, différent des deux précédents, est du type B.

Dans un article précédent (3), nous avons exposé l'intérêt que peut présenter le transfert du matériel génétique de *G. anomalum* à *G. hirsutum*. Celui-ci peut s'effectuer selon différents processus :

- addition de chromosomes au génome de *G. hirsutum* ;
- intégration de portions de chromosomes de *G. anomalum* à certains chromosomes de *G. hirsutum* comme conséquence de la juxtaposition de ces deux matériels génétiques (7) (6).
- substitution de chromosomes entiers ou de portions de chromosomes par l'intermédiaire d'un tétraploïde synthétique (4).

Ce n'est qu'après stabilisation que ce transfert pourra être utilisé dans un but pratique d'amélioration. Dans le cas particulier de l'addition, la stabilité ne pourra être acquise qu'après réalisation d'un certain nombre de conditions : doublement du ou des chromosomes surnuméraires, appariement convenable

de ces paires, participation à la méiose en harmonie avec la garniture chromosomique de *G. hirsutum* ; enfin, aucun obstacle ne devra s'opposer à l'autofécondation de ces lignées.

Nous examinerons ici, en fonction des observations que nous avons effectuées jusqu'à présent, les possibilités de stabilisation des additions précédemment décrites (3).

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Les deux espèces impliquées dans ce croisement ont été précédemment décrites (3) ; rappelons simplement qu'elles diffèrent par leur garniture chromosomique. Le génome B possède certaines affinités avec le génome A (groupe *herbaceum*) : l'hybride F_1 entre *G. herbaceum* et *G. anomalum* forme en effet, en moyenne (sur 312 cellules-mères de grains de pollen examinées), 11,57 bivalents et 2,36 univalents (4). Par contre, la parenté des génomes B et D est plus lointaine : SKOVSTED (10) a observé l'appariement suivant dans un hybride F_1 entre *G. anomalum* et *G. thurberii* : 14,30 univalents, 5,70 bivalents et 0,10 trivalents, résultats confirmés par PHILLIPS (5). Chez le triploïde ADB issu du croisement *G. hirsutum* \times *G. anomalum*, l'appariement moyen observé (sur 95 cellules-mères de grains de pollen) est le suivant : 24,88 univalents, 6,44 bivalents, 0,32 trivalents et 0,06 quadrivalents (3), ce qui montre le faible degré d'homologie existant entre les deux espèces.

Par doublement à la colchicine de ce triploïde, nous avons obtenu l'hexaploïde qui, par croisement avec du pollen de *G. hirsutum*, a produit plusieurs pentaploïdes de constitution A A D D B. L'utilisation de ces pentaploïdes comme femelles dans un croisement par *G. hirsutum* a permis d'étudier la ségrégation des chromosomes du génome B dans les ovules (3). Parmi les quatorze phénotypes caryologiques théoriquement possibles, la fréquence du phénotype à 53 chromosomes est suffisamment élevée pour qu'il soit possible de sélectionner systématiquement les plantes de ce type, soit au cours de la première génération suivant le croisement, soit au cours des générations ultérieures.

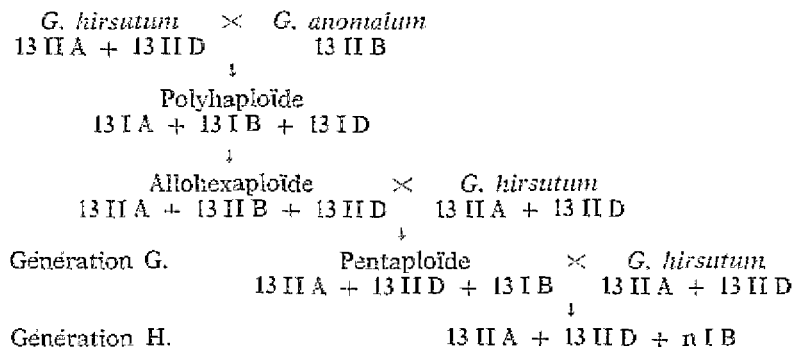
Le phénotype caryologique à 53 chromosomes peut se manifester théoriquement sous 13 formes différentes correspondant aux 13 chromosomes de *G. anomalum* : l'étude morphologique des populations d'ad-

dition ainsi obtenues nous a permis de mettre en évidence huit d'entre elles. Nous avons alors attribué un numéro d'ordre aux différents chromosomes de *G. anomalum* définis par les altérations morphologiques que leur présence à l'état d'addition induit dans l'espèce *G. hirsutum*.

L'étude des populations ségrégantes a combiné les observations morphologiques et l'examen caryologique d'un certain nombre de plantes. Cet examen a été effectué par écrasement, après coloration au carmin acétique ferrique, des cellules-mères de grains de pollen fixées au Carnoy. L'observation de la maturité pollinique a été réalisée à l'aide de la méthode utilisée par BRONKERS (1) qui préconise le milieu de coloration suivant :

lactophénol 1 000
bleu d'aniline 1/1 000
fuschine basique 3/1 000

GENEALOGIE DES LIGNEES D'ADDITION



Les générations suivantes ont été affectées des lettres : I, K, M, P, R.

OBSERVATIONS

A) Ségrégations des populations d'addition

Une population d'addition monosomique est essentiellement instable : nous avons montré précédemment (3) que le chromosome surnuméraire est soumis à une élimination systématique au cours de la métaphase I ; il s'ensuit, à la génération suivante, une diminution du taux de recouvrement de plantes aneuploïdes par rapport au taux de 50 % qui découlerait d'une distribution au hasard du chromosome surnuméraire entre les produits de la méiose. Cinq générations d'autofécondation permettent de préciser les ségrégations des différentes populations d'addition monosomique. L'examen cytologique n'a été, la plupart du temps, effectué qu'à titre de contrôle, en particulier lorsque les ségrégations observées fournissaient des proportions aberrantes.

Résultats

— Une première série d'observations a porté sur

les ségrégations de l'autofécondation des plantes reconnues cytologiquement comme portant un chromosome surnuméraire. Le tableau I donne le détail des ségrégations au cours des générations successives ; chacune de ces observations représente elle-même le cumul de plusieurs séries homogènes. Pour chaque chromosome en cause, l'ensemble des générations constituant une série homogène, nous pouvons cumuler les observations.

L'ensemble de ces résultats conduit à formuler une première constatation : à chaque génération et pour chaque chromosome en cause, plusieurs descendance ont été observées ; un petit nombre d'entre elles, comme nous le verrons par la suite, manifestait une ségrégation significativement différente de la moyenne de la génération ; ces ségrégations n'interviennent pas dans ce tableau. Cette réserve étant faite, on ne constate aucune modification générale du taux de recouvrement du chromosome surnuméraire d'une génération à la suivante.

Le tableau II regroupe le total des ségrégations, par chromosome, issu du tableau I.

Tableau I
(n est le nombre de souches utilisées)

Génération	Chromosome I Type n normal modifié			Chromosome II Type n normal modifié			Chromosome III Type n normal modifié			Chromosome VI Type n normal modifié		
I	37	449	298 (39,9 %)	13	250	211 (45,8 %)	1	40	30 (42,9 %)	3	71	54 (43,2 %)
K	14	308	163 (34,6 %)	5	46	33 (41,8 %)	11	194	108 (35,8 %)			
M	11	219	128 (36,9 %)	10	63	53 (45,7 %)	3	53	30 (36,1 %)	6	125	107 (46,1 %)
P	25	1 058	627 (37,2 %)				2	71	37 (34,3 %)			
Total	87	2 034	1 216 (37,4 %)	28	359	297 (45,3 %)	17	358	205 (36,4 %)	9	196	161 (45,1 %)
Homogénéité	$\chi^2 = 3,66$ (3 d.l.)			$\chi^2 = 0,50$ (2 d.l.)			$\chi^2 = 1,73$ (3 d.l.)			$\chi^2 = 0,20$ (1 d.l.)		

Génération	Chromosome V Type n normal modifié			Chromosome VI Type n normal modifié			Chromosome VII Type n normal modifié			Chromosome VIII Type n normal modifié		
I	8	157	147 (48,4 %)	4	60	62 (50,8 %)	1	19	14 (42,4 %)	4	26	34 (56,7 %)
K	9	98	86 (46,7 %)	10	116	107 (48,0 %)				6	72	83 (53,5 %)
M	9	143	110 (43,5 %)	8	86	92 (51,7 %)				9	86	84 (49,4 %)
P	3	112	93 (45,9 %)									
Total	29	510	438 (46,2 %)	22	262	261 (49,9 %)	1	19	14 (42,4 %)	19	184	201 (52,2 %)
Homogénéité	$\chi^2 = 1,96$ (3 d.l.)			$\chi^2 = 0,52$ (2 d.l.)						$\chi^2 = 1,29$ (2 d.l.)		

Tableau II

Chromosome	Nombre de souches	Type normal	Type modifié	Total	Homogénéité $\chi^2 =$
I	87	2 034	1 216 (37,4 %)	3 250	23,42
II	28	359	297 (45,3 %)	656	3,61
III	17	358	205 (36,4 %)	563	6,15
IV	9	196	161 (45,1 %)	357	1,66
V	29	510	438 (46,2 %)	948	8,40
VI	22	262	261 (49,9 %)	523	14,54
VII	1	19	14 (42,4 %)	33	0,00
VIII	19	184	201 (52,2 %)	385	17,98
Total		3 922	2 793 (41,6 %)	6 715	75,76 (7 d.l.)

L'ensemble de ces ségrégations ne constituant pas une série homogène, on en déduit que les taux de recouvrement du chromosome surnuméraire varient selon le chromosome en cause.

— Une deuxième série d'observations utilisant les résultats des croisements réciproques entre types d'addition monosomique et *G. hirsutum* permet de

préciser le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les gamètes mâles ou femelles.

Les observations ont porté sur les chromosomes I, III et V. Les croisements ont été faits sur plusieurs souches de chaque catégorie; on en trouvera le détail en annexe I. L'homogénéité dans chaque série est excellente, ce qui permet de regrouper les résultats obtenus pour chaque chromosome :

Tableau III

Chromosome	Fréquence du type à 52 chromosomes	Fréquence du type à 53 chromosomes	Total	Homogénéité $\chi^2 =$
<i>G. hirsutum</i> femelle \times aneuploïde mâle				
I	867	386 (30,8 %)	1 253	0,06
III	76	27 (26,2 %)	103	1,13
V	219	112 (33,8 %)	331	1,15
Total	1 162	525 (31,1 %)	1 687	2,34 (2 d.l.)
Aneuploïde femelle \times <i>G. hirsutum</i> mâle				
I	561	54 (8,8 %)	615	

On déduit de ces observations que, pour les trois chromosomes en cause, la proportion des gamètes femelles à 27 chromosomes est identique et avoisine 30 %.

La combinaison des résultats reportés dans les tableaux I et II permet de calculer le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les ga-

mètes mâles ; l'erreur due au fait que les zyotes à 54 chromosomes ne sont peut-être pas tous viables est en effet assez faible. Si x est la proportion de gamètes mâles transmettant le chromosome surnuméraire et y la proportion correspondante de gamètes femelles, la proportion des plantes euploïdes sera $(1 - x)(1 - y)$. On en déduit les valeurs suivantes :

Tableau IV

Chromosome	Filiation autofécondée		Rétrocroisement (aneuploïde femelle)		
	type normal	type modifié	type normal	type modifié	x
I	2 034	1 216	867	386	9,6 %
III	358	205	76	27	13,8 %
V	510	438	219	112	18,7 %

On remarque, en ce qui concerne le chromosome I, que l'estimation de x ainsi calculée est très proche de celle que l'on a pu déduire des ségrégations issues du croisement *G. hirsutum* \times aneuploïde mâle.

On remarque également que le taux de transmission du chromosome surnuméraire par le gamète mâle varie du simple au double entre le chromosome I et le chromosome V.

L'observation des ségrégations fournit une estimation du nombre de gamètes mâles à 27 chromosomes qui interviennent au cours de la fécondation. Les observations suivantes montrent néanmoins que la proportion de gamètes à 27 chromosomes dans la population gamétique mâle est nettement plus élevée.

L'examen de 98 méiocytes de plantes à 53 chromosomes (le 53^e dans le cas précédent étant le chromosome I de *G. anomalum*) a montré que l'élimination du chromosome surnuméraire se situe entre les métaphases I et II. Nous avons pu observer dans 44 méiocytes qu'à la fin de la première métaphase le chromosome I a été rejeté en dehors des condensations de cytoplasme dans lesquelles se trouvent inclus les chromosomes de *G. hirsutum*. Ce chromosome, qui ne s'était pas divisé au moment de la métaphase I, se scinde en métaphase II de façon concomitante avec ceux de *G. hirsutum* ; dans ce cas cependant, il constitue un micronoyau et se trouve éliminé. Par contre, lorsqu'il se trouve intégré dans l'un des deux noyaux en fin de métaphase I, il se divise en métaphase II en harmonie avec la garniture normale et suit la destinée des chromosomes de *G. hirsutum*. La probabilité pour le chromosome surnuméraire, de faire partie d'une microspore avoisine donc 27 %, chiffre nettement supérieur à celui des gamètes mâles effectivement utilisés mais qui se rapproche par contre de celui des gamètes femelles à 27 chromosomes.

Les faits suivants viennent à l'appui de ces observations : la descendance, par filiation autofécondée, de la plante M 5009 dont le phénotype manifestait la présence de certains éléments du chromosome I (présence de la maculature du pétale, absence de co-

loration de la fibre) a donné lieu à une ségrégation aberrante : 18 plantes à pétale taché, 16 plantes à pétale blanc. L'examen cytologique montre que le chromosome surnuméraire n'est plus qu'un fragment centrique dont la taille est réduite au cinquième mais dont le comportement à la méiose est semblable à celui d'un chromosome intact. L'autofécondation des plantes à phénotype modifié a donné lieu à la ségrégation suivante :

178 plantes à phénotype normal :

170 plantes à phénotype modifié, soit une proportion de 48,9 % qui diffère significativement de la proportion observée (37,4 %) lorsqu'intervient un chromosome I intact.

Par contre, le rétrocroisement par *G. hirsutum* utilisant l'aneuploïde comme femelle a donné lieu à une ségrégation conforme à celle que l'on observe lorsque le chromosome I est intact.

	Phénotype normal	Phénotype modifié
M 5009 (17 souches)	699	260
Ch. I intact	867	386

Ces deux types de ségrégation ne diffèrent pas ($\chi^2 = 3,56 - 1$ d.l.). On peut en déduire le taux de transmission du fragment par les gamètes mâles qui se situe entre 29,8 % et 36,8 % selon la viabilité des types à 54 chromosomes.

Note. — Si on estime que le taux de transmission par la femelle est semblable, pour tous les chromosomes, à celui que l'on a observé pour les chromosomes I, III et V, soit 31 %, les taux de transmission par les gamètes mâles peuvent être estimés pour les autres chromosomes à :

Ch. II	21 %
IV	21 %
VI	27 %
VII	18 %
VIII	31 %

Les modifications phénotypiques et la baisse de fertilité consécutives à la présence de ce fragment sont très faibles et il est impossible dans ce cas de déceler les plantes à 54 chromosomes d'après leur phénotype.

De cet ensemble d'observations, on peut déduire que, dans le cas du chromosome I, la proportion des gamètes mâles à 27 chromosomes est sensiblement la même que celle des gamètes femelles du même type. Cependant, alors que ces derniers ont, par rapport aux gamètes à 26 chromosomes, des chances égales d'être fécondés, les premiers entrent en compétition, au cours de la croissance du tube pollinique, avec les gamètes euploïdes; le fragment porté par la descendance de la plante M 5009 ne joue probablement aucun rôle dans cette circonstance. Il n'est pas interdit de penser que le même mécanisme joue chez les gamètes porteurs des chromosomes III et V.

Les faits que nous venons de décrire mettent en parallèle une modification morphologique évidente du chromosome et une amélioration du taux de transmission par le gamète mâle. Il est rarement possible

d'établir une telle corrélation, mais il faut reconnaître que les cas de modification du taux de recouvrement du chromosome surnuméraire en régime d'autofécondation ne sont pas rares ainsi que le confirment les observations suivantes.

Au cours de la génération M, 30 plantes portant le chromosome I à l'état d'addition monosomique ont été sélectionnées, leur production de coton graine étant nettement supérieure au rendement moyen des plantes sœurs de même composition caryologique. En annexe II, on trouvera le détail des ségrégations constatées dans les descendances issues de l'autofécondation de ces plantes. Vingt-six ségrégations sont conformes aux résultats précédemment exposés; le total de ces ségrégations donne le résultat suivant :

- fréquence des plantes à phénotype normal : 1058 ;
- fréquence des plantes à phénotype modifié : 627 (37,2 %).

Les quatre dernières ségrégations manifestent un taux de recouvrement significativement supérieur (tableau V).

Tableau V

Souches	Phénotype normal	Phénotype modifié	Total
P.81.7	24	25 (51,0 %)	49
P.21.15	46	44 (48,9 %)	90
P.56.21	41	36 (46,8 %)	77
P.23.43	37	36 (49,3 %)	73
Total	148	141 (48,8 %)	289

Ce taux de recouvrement est identique à celui que l'on constate dans la descendance de M 5009; l'examen cytologique ne permet cependant pas d'observer une altération morphologique du chromosome surnuméraire.

Ce phénomène peut, à son tour, intervenir dans l'évolution d'une population d'addition. Les ségrégations dont nous avons fait état jusqu'à présent sont

propres à la descendance des plantes individuelles. Pour conserver un matériel d'addition, la solution la plus simple, cependant, consiste à perpétuer, par filiation autofécondée, une population de laquelle on extrait, à chaque génération, les types d'addition. Cette méthode a été utilisée au cours de deux générations successives; le tableau VI rend compte des résultats obtenus :

Tableau VI

Souches	Première génération		Deuxième génération	
	Phénotype normal	Phénotype modifié	Phénotype normal	Phénotype modifié
M 5818 ..	9	7	40	24
M 5820 ..	12	9	41	35
M 5462 ..	23	12	46	29
M 5477 ..	29	10	48	33
M 4635 ..	30	17	37	41
M 4835 ..	7	6	39	33
Total ..	110	61 (35,7 %)	251	195 (43,7 %)

On constate que le taux de recouvrement des plantes possédant le chromosome surnuméraire s'est amélioré de façon significative d'une génération à la suivante.

Il est nécessaire de signaler ici, ainsi que nous le préciserons dans une publication ultérieure, que le chromosome surnuméraire perd parfois l'une ou l'autre de ses capacités d'hétérocatalyse, en particulier,

pour les chromosomes I et V, celle de colorer la fibre.

Les données relatives aux taux de transmission par les gamètes mâles et femelles permettent de calculer les proportions théoriques des classes à 52, 53 et 54 chromosomes, dans le cas où tous les zygotes à 54 chromosomes donnent naissance à des plantes viables. Le tableau suivant indique les proportions ainsi calculées :

Tableau VII

Chromosome	I	III	V
Taux de transmission par le mâle	8,8 % (obs.)	13,8 % (calc.)	13,7 % (calc.)
Taux de transmission par la femelle	30,8 % (obs.)	26,2 %	33,8 %
Classe à 52 chromosomes	63,1 %	63,6 %	33,8 %
Classe à 53 chromosomes	34,2 %	32,8 %	39,9 %
Classe à 54 chromosomes	2,7 %	3,6 %	6,3 %

Le cumul des ségrégations observées pour chacun

des chromosomes en cause donne les résultats suivants :

Tableau VIII

Chromosome	52 chromosomes	53 chromosomes	54 chromosomes	Fréquence théorique de la classe à 54 chromosomes
I	449	285	13	20
II	189	140	18	
III	213	115	15	12
IV	—	116	14	
V	269	197	21	31
VI	—	232	27	
VI	92	86	13	
—	—	275	21	
VIII	142	144	12	
—	—	192	23	

On constate ainsi que l'autofécondation d'une plante portant le chromosome III en addition monosomique donne lieu à l'apparition d'un nombre de plantes à 54 chromosomes conforme à ce que l'on peut attendre tandis que les fréquences correspondantes sont légèrement inférieures dans le cas des chromosomes I et V : ces chiffres n'excluent pas la possibilité d'une certaine mortalité des zygotes à 54 chromosomes, mais la majorité d'entre eux est viable.

Conclusions

En régime d'autofécondation, le taux de recouvrement du chromosome surnuméraire, d'une génération à la suivante, varie selon le chromosome en cause.

Dans le cas des chromosomes I, III et V, le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les gamètes femelles est identique et avoisine 30 %.

Par contre, le taux de transmission par les gamètes mâles diffère selon le chromosome en cause. L'observation cytologique montre cependant que la proportion de gamètes à 27 chromosomes doit être sensiblement la même dans les deux sexes. Le taux d'utilisation des gamètes à 27 chromosomes dépend de leur capacité à entrer en compétition avec les gamètes à 26 chromosomes.

Dans la plupart des cas, le chromosome surnuméraire semble être transmis intact d'une génération à la suivante ; cependant, il a été possible de constater des altérations des fonctions d'hétérocatalyse accompagnées, dans un cas, d'une modification évidente de la morphologie du chromosome. On constate aussi que la capacité de compétition des gamètes à 27 chromosomes est susceptible de s'accroître.

Enfin, toutes les populations d'addition étudiées ont donné naissance, dans leur filiation autofécondée, à des cotonniers à 54 chromosomes dans des proportions proches de celles que l'on calcule.

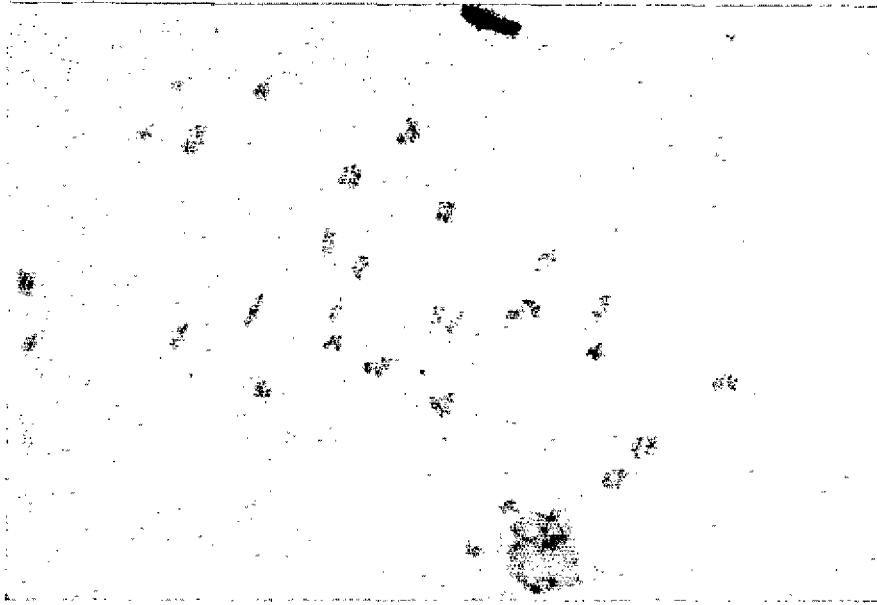


Fig. 1. — Appariement méiotique d'un individu possédant une addition disomique (chromosome I). L'appariement de la paire en surnombre est défectueux.

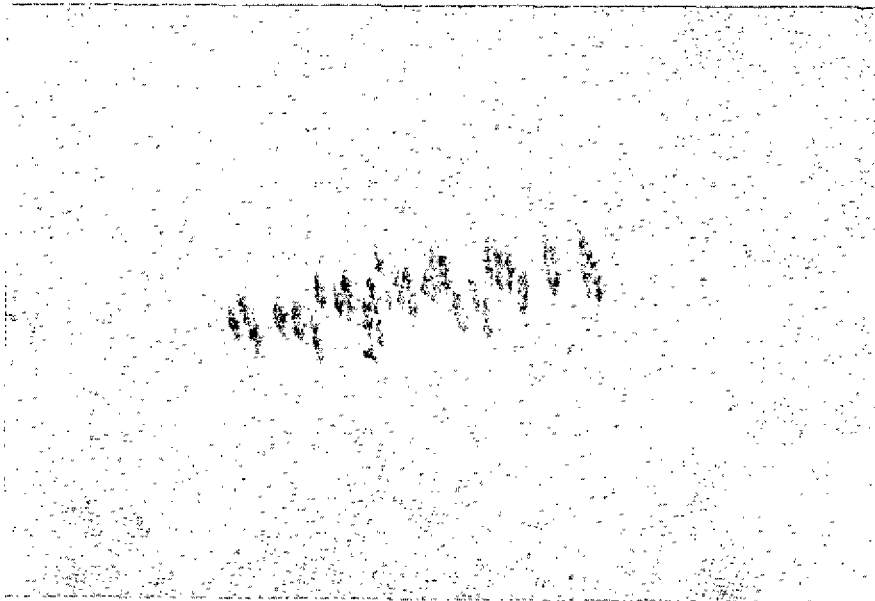


Fig. 2. — Appariement méiotique d'un individu possédant une addition disomique. cet individu appartient à la race d'addition disomique stable obtenue avec le chromosome VI.

B) Descendance des cotonniers à 27 paires de chromosomes. Création d'une race d'addition stable

Ainsi que nous l'avons exposé précédemment (3), l'addition monosomique est relativement bien sup-

portée quoique de façon variable selon le chromosome en cause. Le tableau IX permet de se faire une idée de l'influence de divers chromosomes sur les caractères d'utilisation pratique; il a été établi par confrontation, par population ségréante, des caractéristiques des plantes de types *hirsutum* et des plantes de type modifié; chacun des résultats représente le cumul de plusieurs observations.

Tableau IX

Chromosome	Rendement du type modifié par rapport au type normal	Longueur de fibre		Rendement à l'égrenage	
		Type normal	Type modifié	Type normal	Type modifié
		mm	mm	%	%
I	51,9 %	30,8	30,1	36,5	37,8
II	21,1 %	30,5	29,3	36,9	36,9
III	67,8 %	30,2	30,3	38,5	39,7
IV	53,1 %	32,3	33,2	37,8	33,6
V	70,2 %	32,7	32,2	32,7	31,8
VI	60,8 %	29,8	29,3	39,3	36,9
VIII ..	66,5 %	29,9	27,4	38,3	34,2

L'analyse détaillée des populations ségréantes montre que la chute de rendement constatée varie, pour un même chromosome, dans de larges proportions entre les populations ségréantes et même à l'intérieur d'une population.

La descendance des plantes à addition monosomique est assurée sans aucune difficulté par autofécondation : la maturation des grains de pollen n'est sujette à aucun accident et l'examen d'une population de grains de pollen ne permet de constater aucune hétérogénéité ni de taille ni de degré de maturation entre les grains de pollen porteurs de 26 ou de 27 chromosomes. Il est cependant nécessaire de faire une réserve en ce qui concerne le chromosome III : sa présence induit fréquemment un taux d'asynédèse variable selon les populations ségréantes, mais parfois loin d'être négligeable; ce fait a pour conséquence la production de grains de pollen inviables.

Il convient d'examiner maintenant comment est assurée la descendance des individus à 54 chromosomes.

Résultats

Trois obstacles principaux s'opposent, à des degrés divers, à la perpétuation de tels individus :

- leur déséquilibre morphologique et physiologique;
- le défaut d'appariement de la 27^e paire de chromosomes;
- la stérilité pollinique.

Les altérations morphologiques que l'on constate chez les individus porteurs d'une addition monosomique sont très fortement accentuées lorsque le chromosome se trouve à l'état disomique. En règle

générale, cette forme d'addition provoque un déséquilibre tel qu'il peut provoquer la stérilité totale : c'est ainsi que, chez les cotonniers porteurs du chromosome VIII à l'état de paire, toutes les fleurs tombent dès le jour de leur ouverture; dans la plupart des cas, la chute de rendement atteint 90 à 95 %, mais, chez certaines populations ségréantes portant en particulier les chromosomes V ou VI, cette baisse de fertilité n'excède pas 75 à 80 %. Dans le cas du chromosome I, bien que l'on ait pu constater une évolution favorable de la fertilité chez certaines populations d'addition monosomique, tous les individus à 54 chromosomes issus de ces populations sont presque totalement stériles; une exception doit cependant être faite pour les descendants de la souche M 5009 à chromosome fragmenté : aucun descendant à 54 chromosomes n'a pu être décelé cytologiquement jusqu'à présent, mais il est très probable que de tels individus existent; dans ce cas, la présence du fragment à l'état double n'apporte aucune perturbation.

L'aptitude à l'appariement de la 27^e paire varie selon le chromosome en cause. Chez les individus porteurs du chromosome I ou du chromosome II, la paire surnuméraire se présente sous des formes très diverses, allant du défaut complet d'appariement à la formation d'un bivalent parfaitement intégré au fuseau de *G. hirsutum*; il en est de même pour le chromosome IV. Comme nous l'avons signalé précédemment, certaines populations portant le chromosome III montrent un taux d'asynédèse élevé, le nombre de bivalents pouvant descendre jusqu'à 14; par contre, il existe des populations qui ne subissent pas cet accident et, dans ce cas, l'appariement de la 27^e paire est normal. Enfin, lorsque la 27^e paire est composée des chromosomes V ou VI, l'appariement est normal et il n'est pas possible de distinguer cette paire d'un bivalent appartenant au génome de *G. hirsutum*; ce fait a été confirmé, en ce qui concerne le

chromosome V, par l'observation des descendants de deux croisements par *G. hirsutum* utilisant comme femelle des plantes à 54 chromosomes : dans les deux cas, les descendance (34 et 52 individus respectivement) sont homogènes et leur phénotype correspond à la présence du chromosome V à l'état monosomique.

La stérilité pollinique constitue une caractéristique très générale des plantes d'addition disomique : les anthères restent fermées ou ne s'ouvrent que dans une très faible proportion et l'examen de la fertilité

pollinique montre que l'ensemble des grains de pollen est immature à des degrés divers ; cet accident, ainsi que nous l'avons vu précédemment, n'est pas dû à la constitution chromosomique des grains de pollen mais à la plante-mère. L'ouverture de quelques anthères peut cependant libérer du pollen dont une faible fraction est fertile, ce qui nous a permis d'observer quelques très rares descendance de très faible volume. Celles-ci correspondaient à la présence des chromosomes I, II ou IV, mais nous pouvons constater, par le tableau suivant, qu'aucune d'entre elles n'est homogène.

Tableau X

Chromosome	52 chr.	53 chr.	54 chr.
I		6	1
II	8	29	6
IV	2	10	8

La maturation du pollen est cependant susceptible d'amélioration : nous avons pu le constater dans le cas du chromosome VI, ce qui a permis d'aboutir à une race d'addition stable.

Nous possédons actuellement 3 lignées de *Gossypium* dont le caryotype comporte 27 paires de chromosomes, la 27^e paire étant constituée par le chromosome VI de *G. anomalum* à l'état disomique, en sus du génome complet de *G. hirsutum*. La généalogie détaillée de ce matériel se trouve en Annexe III ; il est issu de deux origines différentes, mais, dans les deux cas, le point de départ se situe à la ségrégation du croisement du pentaploïde par *G. hirsutum*.

Durant les trois premières générations d'auto-fécondation, plusieurs plantes possédant une addition disomique ont pu être décelées dans les populations ségrégantes ; aucune d'entre elles n'a pu être perpétuée, la stérilité pollinique étant pratiquement totale et les anthères demeurant fermées. Cependant, l'appariement des deux chromosomes surnuméraires était excellent dès la seconde génération suivant le croisement. On pouvait également constater une augmentation de la taille de tels individus ainsi qu'un retour vers un équilibre morphologique proche de celui de *G. hirsutum*. La souche P 374.2 n'est représentée que par un seul plant, atteint de nanisme ; cette dernière anomalie a pu être constatée dans plusieurs populations ségrégantes issues d'individus porteurs du chromosome 6. Le nanisme, dans de telles populations, n'est cependant pas lié à la présence du chromosome 6 dans le génome : il s'exprime aussi bien chez des plantes à caryotype normal que chez des individus à 53 chromosomes.

Chacune des souches P 377.2 et P 386.2 est représentée par six individus, tandis que la souche P 400.42 comporte 16 représentants. L'examen détaillé de chaque individu montre que ces populations sont en état de déséquilibre physiologique ainsi que le montrent les constatations suivantes.

Ces trois populations sont phénotypiquement très semblables : les plantes ont une taille légèrement inférieure à celle de *G. hirsutum* ; leur croissance, en particulier, est plus lente ; les lobes des feuilles se recouvrent ; les fleurs ont des pétales plus petits que ceux de *G. hirsutum* ; les capsules sont sensiblement de même longueur que celles de *G. hirsutum*, mais elles sont deux fois plus longues que larges. Aucune de ces modifications phénotypiques ne semble apporter d'obstacles au déroulement normal de la croissance.

La précocité de la souche P 400.42 est nettement supérieure à celle des souches P 377.2 et P 386.2, un décalage de trois semaines se produisant entre les 2 maximum de floraison.

La méiose a été observée sur un certain nombre de plantes de chaque population. On peut constater ainsi que, dans tous les cas observés, l'appariement de la 27^e paire est excellent : la paire de chromosomes surnuméraires s'intègre parfaitement dans la garniture chromosomique normale et il ne nous a pas été possible, sur aucune des cellules-mères observées, de l'individualiser. Le nombre de chiasmas observés par cellule est le suivant :

Souche P 374.2	52,4 ± 1,2	sur 8 cellules-mères
" P 377.2	53,6 ± 0,5	sur 25 "
" P 386.2	53,1 ± 1,0	sur 17 "
" P 400.42	53,4 ± 0,7	sur 33 "

Après examen de chaque individu en cours de végétation, on constate que toutes les anthères arrivent à maturité ; néanmoins, elles s'ouvrent plus tardivement que chez *G. hirsutum* : un écart de une à deux heures sépare les deux périodes.

Le contrôle de la maturité du pollen a été effectué par coloration au bleu d'aniline et à la fuschine basique, les comptages étant faits sur 500 grains par plant. On constate que chaque population est homo-

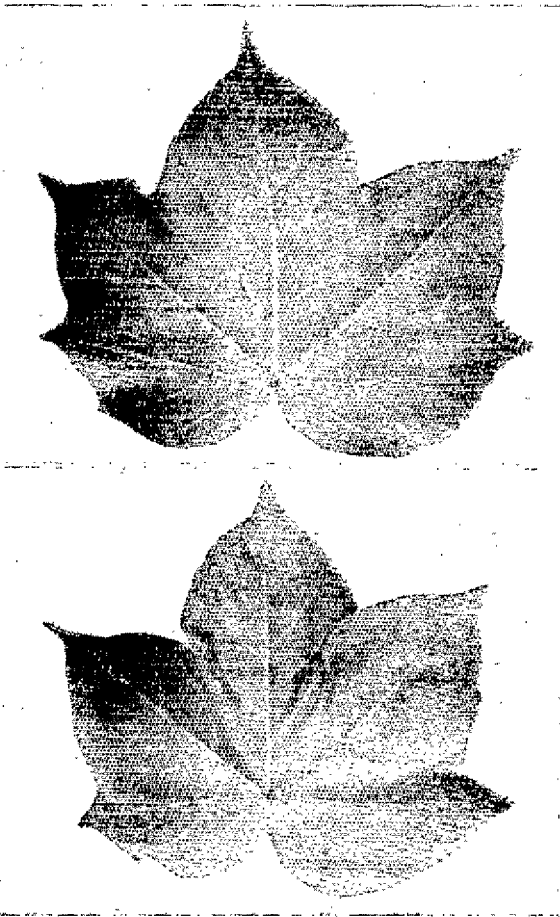


Fig. 3. — Feuille supérieure *G. hirsutum*.
Feuille inférieure race à 27 paires de chromosomes
(chromosome VI).



Fig. 4. — Race d'addition disomique correspondant au
chromosome VI de *G. anomalum*.

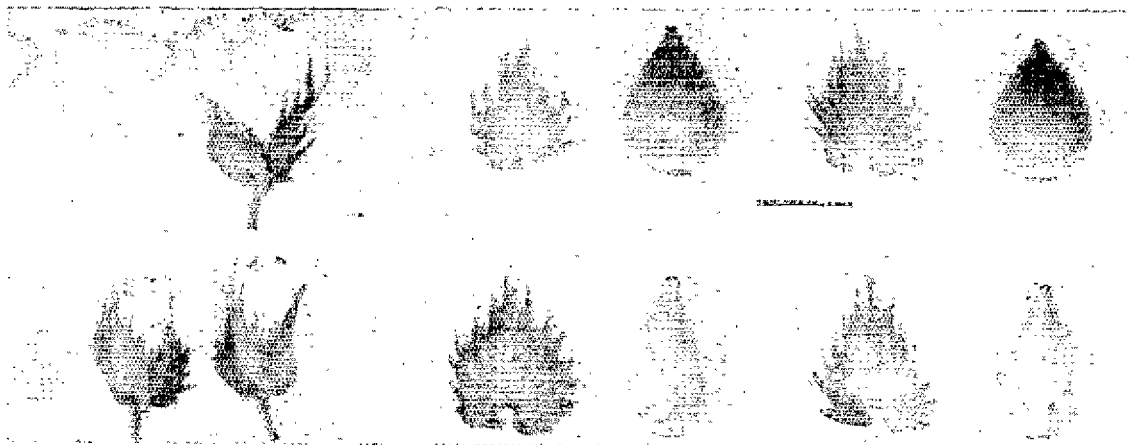


Fig. 5. — Fleurs et capsules supérieures *G. hirsutum*.
Fleurs et capsules inférieures. Race à 27 paires de chromosomes (chromosome VI).

gène sous ce rapport mais qu'il existe, par contre, des différences significatives entre populations. Les résultats obtenus sont les suivants :

Souche P 374.2	31,3 % de pollen avorté
» P 377.2	9,0 % »
» P 386.2	4,1 % »
» P 400.42	4,7 % »

— Le taux d'utilisation des ovaires a été examiné sur chaque individu par comptage du nombre d'ovaires avortés, en régime de fécondation libre et d'autofécondation. L'homogénéité observée est remarquable tant entre populations qu'à l'intérieur de chaque population.

Les résultats obtenus sont les suivants, en pourcentage d'ovules non développés :

	Fécondation libre	Autofécondation	Croisement par Allen
Souche P 374.2	34,3 sur 134 grains	33,3 sur 30 grains	34,4 sur 32 grains
» P 377.2	39,8 » 2 628 »	46,9 » 179 »	57,0 » 954 »
» P 386.2	39,8 » 2 080 »	47,5 » 663 »	58,1 » 597 »
» P 400.42	39,9 » 4 640 »	50,7 » 2 976 »	52,0 » 731 »
Total	39,9 » 9 338 »	50,0 » 3 818 »	55,6 » 2 282 »

L'homogénéité des deux premiers résultats est telle qu'elle évoque un mécanisme commun dont la nature n'a cependant pas été élucidée.

Enfin, après délintage à l'acide sulfurique, nous avons constaté qu'une assez grosse quantité de grains n'arrive pas à maturité. L'arrêt de maturation des grains se produit à tous les stades de leur évolution. La variation observée entre plantes est assez considérable, le pourcentage de grains mûrs dans une même lignée pouvant varier de 50 à 90 %.

Les résultats obtenus sont les suivants en pourcentage de grains immatures :

Souche P 374.2	20 %
» P 377.2	37 % sur 1 234 gr. (34 à 49 %)
» P 386.2	35 % sur 1 580 gr. (7 à 52 %)
» P 400.42	31 % sur 3 323 gr. (14 à 50 %)

Ce défaut de maturité est probablement imputable à la constitution morphologique de la capsule qui favorise une transpiration intense : les capsules soumises à l'autofécondation ou au croisement ont en effet été protégées par des sachets de cellophane ; on constate que les grains qui en sont issus sont arrivés pratiquement tous à maturité, le sac de cellophane ayant pour effet, entre autres, de limiter l'évaporation.

Diverses caractéristiques, enfin, ont été mesurées, qui sont résumées ci-dessous :

	Longueur de fibre	Rendement égrenage	Poids de 100 grains
Souche P 374.2	26,8 mm	22,2 %	5,83
» P 377.2	26,0 mm	32,0 %	5,94
» P 386.2	25,5 mm	34,2 %	5,19
» P 400.42	23,5 mm	27,3 %	6,62

Conclusions

La perpétuation d'une race hyperploïde se heurte à un certain nombre d'obstacles dont l'importance varie selon le chromosome en cause :

- le défaut d'appariement de la paire supplémentaire,
- le déséquilibre morpho-physiologique,
- la stérilité pollinique,

sont les plus évidents. Le premier de ces défauts semble n'être susceptible d'aucune amélioration spontanée en un faible nombre de générations. Les deux autres, et en particulier le dernier, peuvent, au moins dans certains cas, disparaître partiellement. Il a été possible d'obtenir une race de *G. hirsutum* possédant, en sus de son génome, une paire de chromosomes du génome de *G. anomalum* (chromosome VI) ; il est essentiel de remarquer que cette paire surnuméraire manifestait un appariement excellent dès les premières générations d'autofécondation ; mais il semble que la perpétuation de cette race n'a été possible que grâce à ce que nous appelons provisoirement la faculté d'adaptation mutuelle des deux matériels génétiques en attendant de posséder de nouvelles informations sur ce phénomène. Il est également nécessaire d'insister sur le fait que cette race manifeste certains déséquilibres physiologiques qui agissent très nettement sur sa fertilité.

DISCUSSION

L'objectif que nous cherchons à atteindre est essentiellement pratique : l'espèce *G. anomalum* est-elle susceptible d'apporter certaines améliorations, en particulier technologiques, à *G. hirsutum* ? Les deux espèces appartenant à des génomes éloignés, l'une des voies susceptibles d'apporter une réponse à cette question consistait à tenter de réaliser l'addition des génomes. Cependant, l'hexaploïde AA DD BB est stérile : la méthode d'étude la plus accessible consiste donc à rechercher toutes les populations d'addition possibles. La perpétuation de telles populations pendant plusieurs générations est devenue relativement aisée à partir du moment où ont pu être individualisées les modifications phénotypiques caractéristiques de l'addition de chacun de ces chromosomes.

Plusieurs matériels végétaux différents ont fait l'objet de semblables études; tous présentent une caractéristique commune: la difficulté d'obtenir une lignée d'addition stable et relativement fertile (3) (2). Les observations effectuées montrent que les produits du croisement en cours d'étude n'échappent pas à cette règle.

Deux mécanismes essentiels s'opposent, en effet, à la perpétuation des individus porteurs d'une addition disomique:

- le défaut d'appariement de la paire supplémentaire,
- le manque de vigueur et de fertilité.

Il n'apparaît cependant pas qu'il existe une relation quelconque entre ces deux mécanismes.

Ainsi que nous l'avons exposé, l'appariement des chromosomes surnuméraires est variable selon les chromosomes en cause, mais ces différents comportements peuvent se ramener à trois catégories:

- asyndèse partielle consécutive à la présence du chromosome III,
- appariement irrégulier,
- bon appariement, en particulier des chromosomes V et VI.

Chez les plantes portant le chromosome I à l'état d'addition disomique, en particulier, il n'a été constaté, au cours des générations successives, aucune amélioration de l'appariement méiotique. Le fait que l'appariement de l'hexaploïde (2,81 I - 37,03 II - 0,13 III - 0,22 IV estimé sur 32 cellules-mères) corresponde de très près aux résultats prévisibles dans l'hypothèse d'un appariement homogénéique suggère l'existence d'un mécanisme régulateur de la méiose propre à chacune des espèces du croisement; tous les chromosomes n'interviendraient cependant pas dans ce mécanisme. L'étude de ce problème, actuellement en cours, est basée sur le comportement de la descendance du croisement entre la race d'addition disomique que nous avons obtenue, prise comme mâle, et les différentes populations d'addition monosomique.

L'influence, sur la vigueur et la fertilité, de l'addition monosomique est très variable selon le chromosome en cause. Chaque addition apporte une masse d'informations: la fonction d'autocatalyse du chromosome surnuméraire demeure intacte et les observations relatives aux modifications phénotypiques montrent que la fonction d'hétérocatalyse est au moins partiellement active. Les informations ajoutées ne sont pas coordonnées avec celles qui sont propres à l'espèce réceptrice: il est donc parfaitement concevable que des troubles puissent se produire, dus, en particulier, à l'action des facteurs quantitatifs qui interagissent avec ceux de *G. hirsutum*. L'observation suivante montre qu'il ne s'agit probablement parfois que d'un effet de dosage: nous montrerons, dans une publication ultérieure, qu'il a été possible de substituer, dans le groupe de liaison (Lc, Yg, R₁) de *G. hirsutum*, un fragment correspondant approximativement à la moitié du chromosome I; les troubles dus à cette substitution à l'état homozygote n'ont pas de commune mesure avec ceux

apportés par le chromosome à l'état d'addition. La faible capacité de compétition du pollen aneuploïde constitue un des aspects de ce déséquilibre. L'état d'addition disomique amplifie cette disharmonie dans des proportions telles que l'addition disomique du chromosome VIII, par exemple, provoque une stérilité complète due à la chute des fleurs; dans la plupart des cas, cependant, la stérilité est due à la non ouverture des anthères, elle-même corrélatrice du défaut de maturation du pollen.

Le fait important à retenir est qu'une population d'addition est susceptible d'évoluer: entre populations d'addition de même origine portant le chromosome I, il existe des différences notables; chez certaines d'entre elles, la présence du chromosome I n'entraîne pratiquement aucune baisse de production de coton-graine; on constate que le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les gamètes mâles est susceptible de s'améliorer de façon sensible, ce qui signifie une capacité de compétition accrue des gamètes aneuploïdes; certaines fonctions peuvent disparaître: c'est le cas de la coloration de la fibre, caractères induits par les chromosomes I et V. Enfin, l'évolution des populations possédant le chromosome VI à l'état d'addition aboutit au rétablissement au moins partiel de la fertilité des individus porteurs d'une addition disomique: la déhiscence des anthères est retardée, mais la fertilité pollinique est excellente. Il existe encore trop peu d'éléments permettant d'émettre une hypothèse explicative du mécanisme de cette évolution; les possibilités d'introggression, dans le génome de l'espèce réceptrice, de certains facteurs propres au chromosome I donnent à penser que des échanges entre les deux matériels génétiques sont possibles: cette opinion est étayée par une observation récente, la présence d'un trivalent dans une lignée d'addition. Par contre, aucun phénomène de ce genre n'a été observé au cours de la ségrégation des populations portant le chromosome VI à l'état d'addition; il n'est pas impossible qu'un mécanisme très différent intervienne dont la nature ne pourra être élucidée que par l'étude des générations successives d'autofécondation d'une part, de croisements par *G. hirsutum* d'autre part.

Quelle que soit la nature du mécanisme d'évolution qui favorise la stabilité d'une lignée d'addition disomique, celui-ci est essentiel à son maintien: la forte capacité de compétition de gamètes euploïdes, la fertilité relative des individus porteurs d'une addition monosomique ainsi que la composition de la population gamétique qu'ils engendrent risquent, en effet, d'amplifier de façon exponentielle les conséquences d'un défaut d'appariement accidentel de la 27^e paire; en l'absence de sélection, il en découlera un retour très rapide de la population à l'état euploïde.

La méthode d'étude consistant à scinder le génome de *G. anomalum* en ses constituants a pour elle l'avantage de la simplicité; elle permet de déceler les effets qualitatifs dominants induits par chaque chromosome, entre autres les caractères de résistance aux prédateurs (leaf curl, bactériose, jassides) (9); on peut inversement remarquer que des caractères de sensibilité peuvent apparaître (sensibilité très

grande au *ramularia* chez les individus porteurs du chromosome VIII). Mais les caractères d'intérêt économique n'ont manifesté aucun progrès dans les populations que nous connaissons : la présence du chromosome IV induit un certain allongement de la fibre, mais cet avantage est contrebalancé par une perte sévère de rendement à l'égrenage.

Il n'est pas impensable cependant que certaines associations de chromosomes soient physiologiquement mieux équilibrées : l'observation des ségrégations issues du croisement entre le pentaploïde et *G. hirsutum* a montré en effet que l'addition d'un nombre élevé de chromosomes ne provoque pas nécessairement la stérilité complète. Un argument en faveur de cette hypothèse est apporté par Y. CAUDERON (2) qui a réussi à extraire d'un croisement entre *S. cereale* et *A. intermedium* une lignée à 28 paires de chromosomes par adjonction d'un sous-génome de *A. intermedium*.

Le matériel à notre disposition nous permet de tenter la synthèse de certaines associations, en utilisant la démarche inverse de celle pratiquée par Y. CAUDERON. En vue d'essayer de réaliser les races hyperploïdes possibles, on tentera donc, dans un premier temps, d'associer séparément chacun des chromosomes de *G. anomalum* qui ont pu être isolés à la race à 27 paires de chromosomes actuellement disponible.

Enfin, la méthode utilisée pour scinder le génome de *G. anomalum* peut être généralisée à certains autres génomes éloignés de *G. hirsutum*. La confrontation des matériels d'addition les plus simples ainsi

obtenus constituerait peut-être une méthode d'étude des relations entre espèces.

CONCLUSION

Au cours de la succession des générations, le maintien de l'intégrité du chromosome surnuméraire n'est que relatif ; cette particularité peut entraîner l'accroissement des capacités compétitives des gamètes mâles aneuploïdes et, par voie de conséquence, l'accroissement de la fréquence des individus porteurs d'une addition dans une population ségrégante. Dans un cas particulier et après plusieurs générations, la maturation du pollen, chez les individus porteurs d'une addition disomique, atteint un niveau suffisant pour permettre l'établissement d'une race d'addition stable.

L'exploitation d'un tel croisement doit tenir compte de ces faits : en vue d'obtenir un matériel plus stable que celui d'origine, il y a probablement intérêt à laisser évoluer les populations d'addition en autofécondation pendant plusieurs générations en se bornant à éliminer les individus euploïdes.

L'examen des résultats obtenus amène à conclure qu'il est très improbable de voir apparaître une lignée d'addition stable économiquement intéressante. Néanmoins, le fait que l'intégration de fragments dans le génome de *G. hirsutum* est possible rend tout leur intérêt aux populations d'addition ; elles peuvent ainsi constituer un réservoir de variabilité qui pourra être exploité par le sélectionneur.

RÉSUMÉ

A l'issue d'un croisement entre *G. hirsutum* et *G. anomalum*, suivi de plusieurs croisements de retour par *G. hirsutum*, il est théoriquement possible d'obtenir 13 races telles que les individus qui les composent portent un chromosome de *G. anomalum* en sus du génome complet de *G. hirsutum*. Huit parmi ces races ont été individualisées grâce à leur phénotype. L'observation, durant plusieurs générations successives, des descendance par filiation autofécondée des individus porteurs d'additions donne lieu aux constatations suivantes :

1) D'une génération à la suivante, le taux de recouvrement du chromosome surnuméraire varie selon le chromosome en cause.

Le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les gamètes femelles avoisine 30 %. Par contre, le taux de transmission par les gamètes mâles varie de 9 à 30 % selon le chromosome en cause.

2) L'étude de la descendance des individus porteurs du chromosome I, dont la présence induit normalement l'apparition de la maculature du pétale et de la coloration en brun de la fibre, montre que le

chromosome surnuméraire peut subir des modifications au cours de la succession des générations, tant dans sa morphologie que dans ses fonctions. Le taux de transmission du chromosome surnuméraire par les gamètes mâles s'accroît dans la descendance de certaines souches.

3) Toutes les populations d'addition ont donné naissance à des individus porteurs d'une addition disomique. Au cours de plusieurs générations, tous ces individus se sont révélés à peu près totalement mâle-stériles par défaut de maturation du pollen. Certaines populations portant le chromosome VI en addition ont cependant donné naissance, à l'issue d'une série de générations d'autofécondation, à des individus porteurs d'addition disomique tels que leur maturation pollinique est satisfaisante. Ces individus ont pu ainsi donner naissance à des races d'addition disomique.

La discussion a trait à l'éventualité d'une évolution permettant une modification d'équilibre entre le génome récepteur et le chromosome de l'espèce donneuse et aux conséquences que peut en tirer le sélectionneur.

BIBLIOGRAPHIE

1. BRONCKERS F. — Une technique simple pour la germination du pollen de cotonnier - *Académie royale des sciences d'Outre-mer*. 1961, VII, 4, 601-602.
2. CAUDERON Y. — Etude cytogénétique de l'évolution du matériel issu de croisement entre *Triticum aestivum* et *Agropyron intermedium*. I. Creation de types d'addition stables, *Ann. Amélior. Plantes*. 1966, XVI, 1, 43-70.
3. KAMMACHER P. et C. POISSON. — Sur les possibilités de transférer du matériel génétique du cotonnier sauvage *G. anomalum* Waw et Peyr. à l'espèce cultivée *G. hirsutum* L. *Cot. et Fib. trop.*, 1964, XIX, 243-264.
4. KAMMACHER P. et C. POISSON. — Sur la conjugaison chromosomique d'un *Gossypium* tétraploïde synthétique. *C.R. Acad. Sci. Paris*. 1966, 262, 1713-1720.
5. PHILLIPS L.L. — The cytology and phylogenetics of the diploid species of *Gossypium*. *Amer. J. Bot.* 1966, LIII, 4, 328-335.
6. POISSON C. — Données non publiées.
7. RHYNE C.L. — The anomalous behavior of the ghost spot of *G. anomalum* in amphidiploid *G. hirsutum*. *Genetics*. 1965, LI, 689-698.
8. RILEY R. — The meiotic behaviour, fertility and stability of wheat rye chromosome addition lines - *Heredity*. 1959, XIII, 89-100.
9. SAUNDERS J.H. — The wild species of *Gossypium* and their evolutionary history. *Oxford University Press*. 1961.
10. SKOVSTED A. — Cytological studies in cotton - IV. Chromosome conjugation in interspecific hybrids. *J. Gen.* 1937, XXXIV, 97-134.

ANNEXE I

SEGREGATIONS ISSUES DES CROISEMENTS
PLANTES ANEUPLOIDES \times *G. HIRSUTUM*

CHROMOSOME I

Aneuploïde femelle \times <i>G. hirsutum</i> mâle				<i>G. hirsutum</i> femelle \times aneuploïde mâle			
Souche aneuploïde	52 chr.	53 chr.	Homog. $\chi^2 =$	Souche aneuploïde	52 chr.	53 chr.	Homog. $\chi^2 =$
M 4635	109	47	0,03	M 5806	70	7	0,00
P 81.21	35	13	0,39	M 5261.1	29	2	0,37
P 81.28	36	20	0,76	M 5261.2	40	6	1,10
M 5462	105	47	0,00	M 5268	48	4	0,22
M 5477	117	52	0,00	M 5278	40	7	2,46
M 5315.1	110	50	0,03	M 5140	51	2	1,99
M 5315.2	108	46	0,03	M 5145	188	15	0,55
M 5145	109	56	0,71	M 4833	42	4	0,00
M 4833	116	47	0,26	M 4834	53	7	0,87
P 47.31	22	8	0,16				
Total	867	386 (30,8 %)	2,37 (9 d.l.)		561	54 (8,8 %)	7,56 (8 d.l.)

CHROMOSOME III

Aneuploïde femelle \times <i>G. hirsutum</i> mâle			
P 120.1	32	14	0,45
P 120.2	44	13	0,37
Total	76	27	0,82 (1 d.l.)

CHROMOSOME V

Aneuploïde femelle \times <i>G. hirsutum</i> mâle			
M 7608.1	57	27	0,06
M 7608.2	59	24	0,86
M 7611.1	46	30	1,49
M 7611.2	57	31	0,03
Total	219	112	2,46 (3 d.l.)

ANNEXE II

SEGREGATION DE LA DESCENDANCE ISSUE
DE L'AUTOFECONDATION DE PLANTS
A RENDEMENT ELEVE PORTANT
LE CHROMOSOME I A L'ETAT D'ADDITION
MONOSOMIQUE

Souche	Type modifié	Type normal	Total
M 5462 P 47-31	14 (43,8 %)	18	32
M 5459 P 57-21	1 (25,0 %)	3	4
M 4644 P 21-14	24 (37,5 %)	40	64
M 5441	19 (29,7 %)	45	64
M 4833	27 (28,7 %)	67	94
M 5315 (fibre blanche)	39 (43,3 %)	51	90
(fibre brune)	27 (34,6 %)	51	78
M 4635 P 19-45	7 (35,0 %)	13	20
P 20-28	10 (43,5 %)	13	23
M 5315 P 81-5	9 (45,0 %)	11	20
P 81-7	25 (51,0 %)	24	49*
P 81-28	38 (39,2 %)	59	97
P 81-21	34 (39,1 %)	53	87
M 4635 P 20-26	36 (39,6 %)	55	91
P 19-37	40 (43,0 %)	53	93
M 5818 P 45-16	33 (37,9 %)	54	87
M 5820 P 46-20	27 (31,0 %)	60	87
M 4644 P 21-15	44 (48,9 %)	46	90*
P 21-19	40 (43,0 %)	53	93
M 4661 P 21-22	36 (39,1 %)	56	92
P 21-24	28 (31,8 %)	60	88
M 5268 P 79-5	36 (43,4 %)	47	83
M 5348 P 82-24	30 (36,1 %)	50	83
M 4834 P 56-19	35 (41,2 %)	50	85
P 56-21	36 (46,8 %)	41	77*
M 4929 P 23-20	30 (43,5 %)	39	69
P 23-21	32 (38,6 %)	51	83
P 23-22	21 (29,2 %)	51	72
P 23-26	25 (32,5 %)	52	77
P 23-43	36 (49,3 %)	37	73*
Total des ségrégations normales	627 (37,2 %)	1 058	1 685
Total des ségrégations aberrantes	141 (48,8 %)	148	289

ANNEXE III

GENEALOGIE DES LIGNEES A 27 PAIRES
DE CHROMOSOMES

Souches issues du croisement G 447 (Pentaploïde
13 II A 13 II D 13 I B) par G. hirsutum.

Génération (H)

Dans la descendance de ce croisement, parmi d'autres plants possédant un chromosome supplémentaire, la plante H 1166 (26 II 1 I) était assez fertile et les modifications caractéristiques du phénotype indiquaient la présence du chromosome VI. Cette plante a été autofécondée.

Génération (I)

La ségrégation de cette génération a porté sur 20 plantes :

8 d'entre elles portaient le chromosome VI à l'état de surnuméraire monosomique.

1 possédait ce surnuméraire à l'état disomique.

Cette plante était mâle-stérile et n'a pas donné de descendance par autofécondation.

Génération (K)

Deux plantes portant le chromosome VI ayant été choisies au cours de la génération précédente et soumises à l'autofécondation, leur descendance a donné lieu aux ségrégations suivantes :

	26 II	26 II 1 I
I 8163	15	12
I 8172	11	15

Aucune plante à 27 paires de chromosomes n'a été observée.

Dans la descendance de I 8163, nous avons choisi la plante K 289.20 (26 II 1 I).

Dans la descendance de I 8172, nous avons choisi la plante K 418.19 (26 II 1 I).

Génération (M)

La filiation issue de l'autofécondation de ces souches a donné lieu aux ségrégations suivantes :

	26 II	26 II 1 I	27 II
I 8163 K 289.20	25	13	1
I 8172 K 418.19	32	20 20	2

Trois plantes d'addition disomique ont été observées sous ces ségrégations. Ces plantes étaient mâle-stériles et n'ont pu donner de graines par autofécondation.

Dans la descendance de K 289.20, nous avons choisi la plante M 7803.

Dans la descendance de K 418.19, nous avons choisi les plantes M 7907 et M 7937.

Ces trois plantes d'addition monosomique ont été autofécondées.

Génération (P)

Les descendance de ces 3 plantes ont donné lieu aux ségrégations suivantes :

	26 II	26 II 1 I	27 II
I 8163 K 289.20 M 7803	1	1	1
I 8172 K 418.19 M 7907	23	15	3
M 7937	13	7	1

Toutes les plantes d'addition disomique ont été observées. Deux d'entre elles appartenant à la descendance de la souche M 7907 étaient mâle-stériles et l'autofécondation de ces plantes n'a donné lieu à aucune descendance.

Par contre, les trois autres étaient faiblement mâle-stériles et leur autofécondation a permis d'obtenir une descendance qui a autorisé la poursuite des observations :

— la descendance de M 7803 a fourni la souche P 374.2. Cette souche n'a fourni qu'un gramme de coton-graine par autofécondation alors que les plan-

tes sœurs non modifiées de la ségrégation ont fourni de la même façon 33 g de coton-graine par pied.

— la descendance de M 7907 a fourni la souche P 377.2 (1,5 g de coton-graine par autofécondation contre 30 g pour les plantes non modifiées).

— la descendance de M 7937 a fourni la souche P 382.6 (2 g de coton-graine par autofécondation contre 20 g pour les plantes non modifiées).

Génération (R)

La descendance de ces trois souches a été semée :

I 8163 K 289.30 M 7803 P 374.2 n'a donné qu'une seule plante, R.313.1. Cette plante possède 27 paires de chromosomes.

I 8172 K 418.19 M 7907 P 377.2 a donné 6 plantes (R.313 - 2 à 7). Toutes ces plantes possèdent 27 paires de chromosomes.

M 7937 P 382.6 a donné 6 plantes (R.313 - 8 à 13). Toutes ces plantes possèdent 27 paires de chromosomes.

Souche issue du croisement G 440 (Pentaploïde 13 II A 13 II D 13 I B) par G. hirsutum.

Génération (H)

La descendance de ce croisement comportait, entre autres, la plante H 1131 assez fertile possédant 5 chromosomes surnuméraires. Cette plante a été autofécondée.

Génération (I)

La descendance de H 1131 comportait, entre autres, la plante I 8360 dont la composition caryologique était 16 II 2 I, l'un des chromosomes étant le chromosome II et l'autre le chromosome VIII.

Génération (K)

La descendance de I 8360 comportait la plante K 458.4 qui ne porte plus qu'un seul chromosome surnuméraire, le chromosome VI.

Génération (M)

L'autofécondation de K 458.4 a permis d'obtenir une descendance ségrégante comportant 8 plantes à 54 chromosomes, 3 plantes à 55 chromosomes et une plante possédant 27 paires de chromosomes. Cette plante était cependant mâle-stérile et son autofécondation n'a permis d'obtenir aucune descendance. Parmi les trois plantes possédant un chromosome surnuméraire, la plante M 11.0319 a été autofécondée.

Génération (P)

La ségrégation obtenue à partir de la plante M 11.039 a donné :

- 19 plantes à 54 chromosomes
- 22 plantes à 55 chromosomes
- 2 plantes possédant 27 paires de chromosomes.

La fertilité mâle de ces deux plantes a été suffisante pour que l'on puisse obtenir, par autofécondation, 6 g de coton-graine sur chacune d'elles, la moyenne de production des plantes non modifiées de la ségrégation étant d'environ 35 g par pied.

Génération (R)

Le produit de l'autofécondation de ces deux plantes

a été semé. L'une des souches n'a cependant donné lieu à aucune descendance, aucune graine n'ayant germé.

La seconde souche, P 400.42 a donné 16 plantes (R.314 - 1 à 16). Toutes ces plantes possèdent 27 paires de chromosomes.

SUMMARY

At the termination of a cross *G. hirsutum* × *G. anomalum* followed by several backcrosses by *G. hirsutum*, it is theoretically possible to obtain 13 strains so that the individuals of which they are composed carry a chromosome of *G. anomalum* beside the complete genome of *G. hirsutum*. Among these strains, eight of them were individualized, thanks to their phenotype. Observation through several successive generations of the progenies, by self-fertilized filiation of the individuals carrying additions permits to establish the following facts:

1) From one generation to next, the recovering rate of the supernumerary genome varies according to the chromosome involved. The rate of transmission of the supernumerary chromosome by female gametes is about 30%. On the other hand, the rate of transmission by male gametes ranges from 9 to 30% according to the chromosome involved.

2) Studying the progeny of individuals that carry chromosome I whose presence normally induces the appearance of the petal spot and of the fiber brown

coloration shows that the supernumerary chromosome may undergo modifications in the course of successive generations, in its morphology as well as in its functions. The rate of transmission of the supernumerary chromosome by male gametes increases in the descent of certain strains.

3) All the additive populations gave rise to individuals carrying a disomic addition. In the course of several generations, all the individuals proved to be almost totally male-sterile owing to defective maturation of pollen. Some populations carrying chromosome VI in addition have however given rise, at the termination of a series of self-fertilized generations, to individuals carrying a disomic addition so that their pollinic maturation is satisfactory.

The discussion refers to the possibility of an evolution permitting a modification of balance between the receptive genome and the donor species and to the consequences that can be derived therefrom by the breeder.

RESUMEN

Como consecuencia de un cruce entre *G. hirsutum* y *G. anomalum* seguido de varios cruces de retorno por el *G. hirsutum*, es posible teóricamente obtener 13 razas tales que los individuos que las componen llevan un cromosoma de *G. anomalum* además del genoma completo del *G. hirsutum*. Ocho de esas razas se han individualizado gracias a su fenotipo. La observación de los descendientes, durante varias generaciones sucesivas, por filiación autofecundada de los individuos portadores de adiciones, da lugar a las comprobaciones siguientes:

1) De una generación a la siguiente, el índice de recubrimiento del cromosoma supernumerario varía según el cromosoma correspondiente.

El índice de transmisión del cromosoma supernumerario por los gametos hembras se aproxima del 30%. En cambio, el índice de transmisión por los gametos machos varía de 9 a 30% según el cromosoma en cuestión.

2) El estudio de la descendencia de los individuos portadores del cromosoma I, cuya presencia induce normalmente la aparición de la maculatura del pétalo y de la coloración en marrón de la fibra, muestra que

el cromosoma supernumerario puede experimentar modificaciones durante la sucesión de las generaciones, tanto en su morfología como en sus funciones. El índice de transmisión del cromosoma supernumerario por los gametos machos se incrementa en la descendencia de ciertas familias.

3) Todas las poblaciones de adición han dado nacimiento a individuos portadores de una adición disómica. Durante varias generaciones, todos esos individuos se han revelado casi totalmente machos-estériles por defecto de maduración del polen. Ciertas poblaciones portadoras del cromosoma VI en adición han dado nacimiento, sin embargo, después de una serie de generaciones de autofecundación, a individuos portadores de adición disómica tales que su maduración polínica es satisfactoria. Esos individuos han podido de esta forma producir nacimientos de razas de adición disómica.

La discusión se refiere a la eventualidad de una evolución capaz de permitir una modificación de equilibrio entre el genoma receptor y el cromosoma de la especie donante, y a las consecuencias que puede deducir de ello el seleccionador.